

网络出版时间:2021-03-11 20:21 DOI:10.13207/j.cnki.jnwafu.2021.09.002
网络出版地址:https://kns.cnki.net/kcms/detail/61.1390.S.20210311.1453.003.html

马鞍山地区白山羊线粒体 DNA D-loop 区和 SRY 基因的遗传进化分析

杨心春¹, 朱一笑¹, 刘洪瑜¹, 范恒功², 周 明¹, 刘旭光¹

(1 安徽农业大学 动物科技学院, 安徽 合肥 230036; 2 马鞍山市金农牧业有限公司, 安徽 含山 238191)

【摘 要】【目的】探明安徽马鞍山地区白山羊品种内的群体遗传多样性, 为马鞍山白山羊品种资源保护、开发和遗传育种提供参考依据。【方法】从安徽马鞍山地区分别采集品种特征明显、无血缘关系的公羊、母羊个体血样 19 和 40 份, 提取血液基因组 DNA, 通过 PCR 扩增公羊 SRY 基因、母羊线粒体 DNA D-loop 区序列并测序, 并利用 DNAMAN、DNASP 和 MEGA X 软件对其进行遗传进化分析。【结果】马鞍山地区白山羊公羊 SRY 基因编码区共含有 92 个变异位点, 占核苷酸总数的 10.50%, 共含有 19 种单倍型, 单倍型多样性(Hd)为 1.000, 核苷酸多样性(Pi)为 0.018 68, 平均核苷酸差异数(k)为 15.152; 母羊 mtDNA D-loop 区共含有 986 个变异位点, 占核苷酸总数的 69.24%, 共含有 32 种单倍型, 单倍型多样性(Hd)为 0.986, 核苷酸多样性(Pi)为 0.127 13, 平均核苷酸差异数(k)为 12.915。构建马鞍山地区白山羊与国内其他 20 个山羊品种间的系统发育树, 结果显示, 马鞍山地区白山羊首先与黄淮山羊、西藏山羊聚为一支; 其次与辽宁绒山羊聚为一支; 再与贵州白山羊聚为一支; 最后与安哥拉山羊、波尔山羊聚为一支。【结论】马鞍山地区白山羊拥有丰富的遗传多样性, 在起源中受到较多的其他羊种群体扩张的影响。

【关键词】 白山羊; 线粒体 DNA; D-loop 区; SRY 基因; 遗传多样性; 马鞍山地区

【中图分类号】 S827.2

【文献标志码】 A

【文章编号】 1671-9387(2021)09-0009-07

Genetic evolution analysis on mitochondrial DNA D-loop region and SRY gene of Maanshan white goat

YANG Xinchun¹, ZHU Yixiao¹, LIU Hongyu¹, FAN Heng Gong²,
ZHOU Ming¹, LIU Xuguang¹

(1 College of Animal Science and Technology, Anhui Agricultural University, Hefei, Anhui 230036, China;

2 Maanshan Jimong Animal Husbandry Co., Ltd, Hanshan, Anhui 238191, China)

Abstract: 【Objective】This study explored the genetic diversity of Maanshan white goat to provide reference for its protection, development and genetic breeding. 【Method】A total of 19 rams and 40 ewes unrelated individuals with significant breeding characteristics were selected in Maanshan. Genomic DNA was extracted from blood, and SRY gene of ram and mtDNA D-loop region of ewes were amplified and sequenced using PCR. The sequences were used to analyze genetic evolution by DNAMAN, DNASP and MEGA X. 【Result】A total of 92 variable sites were obtained in coding region of SRY gene in ram of Maanshan white goat, which accounted for 10.50% of total nucleotides including 19 haplotypes. The haplotype diversity (Hd) was 1.000, nucleotide diversity (Pi) was 0.018 68, and average nucleotide difference (k) was 15.152. A total of 986 variable sites were obtained in mtDNA D-loop region of ewes. They accounted for

〔收稿日期〕 2020-09-10

〔基金项目〕 安徽省牛羊产业技术体系项目(AHCYJSTX-07)

〔作者简介〕 杨心春(1993—), 男, 江西赣州人, 在读硕士, 主要从事羊遗传育种研究。E-mail: 1016627726@qq.com

〔通信作者〕 刘旭光(1962—), 男, 安徽宿州人, 副教授, 主要从事羊遗传育种研究。E-mail: liuxuguang@ahau.edu.cn

69.24% of total nucleotides including 32 haplotypes with haplotype diversity (Hd) of 0.986, nucleotide diversity (Pi) of 0.127 13 and mean nucleotide difference number (k) of 12.915. The phylogenetic tree between Maanshan white goat and 20 other goat breeds in China showed that Maanshan white goat firstly clustered with Huanghuai goat and Tibetan goat. They also grouped with Liaoning cashmere goat, Guizhou white goat, as well as Angora goat and Boer goat sequentially. 【Conclusion】 Maanshan white goats had abundant genetic diversity and were affected by other breeds in evolution.

Key words: white goat; mtDNA; D-loop region; SRY gene; genetic diversity; Maanshan region

山羊在我国分布广泛,经历多年的自然选择和人工选择,每个地区逐渐形成了具有不同遗传特点、体型外貌和生产性能的山羊品种。作为一种迁徙率较高的物种,山羊群体的遗传结构和遗传多样性可能会随时间推移发生一定的变化^[1]。由于地理隔离和对不同气候的适应,不同山羊种群的结构始终遵循地理分布^[2]。动物线粒体 DNA(mtDNA)基因组含有 D-loop 区,作为基因组中进化速率最快、多态性最高的区域,mtDNA 受自然选择影响较大,变异程度也较大^[3]。mtDNA 单倍型、结构和功能的多样性广泛应用在分子进化、系统学、群体遗传分析、个体鉴定、历史起源的鉴定等方面^[4]。SRY 基因作为哺乳动物雄性 Y 染色体上的特异性性别决定基因,普遍存在于哺乳动物的 Y 染色体上,其中的 HMG-box 在研究物种中序列高度保守^[5]。曹学涛等^[6]在关于绵羊 Y 染色体特异性引物及 SNPs 的筛选研究中,证明了 6 个绵羊 Y 染色体基因片段与牛、山羊和牦牛具有较高的同源性,说明 Y 染色体基因具有一定的保守性。Cinar 等^[7]对土耳其本地山羊品种的研究反映了 SRY 基因对物种起源的影响。Chen 等^[8]通过对国内双峰骆驼 Y 染色体多态性的研究明确了其父系起源和系统发育规律。以往的研究表明,SRY 基因在动物的起源、系统发育和群体遗传学方面,基于其高度保守性和遗传进化信息的完整性,作为母系遗传 mtDNA 遗传标记的重要补充,可以成为了解父系遗传多样性非常理想的标记分子^[9-10]。

马鞍山地区白山羊额宽嘴短,纯白色,有鬃,被

毛粗、短、直,毛色丝光特征明显,生长速度快,性成熟早,肉质鲜美、营养丰富,深受当地消费者青睐,是十分具有潜力的地方品种资源,但目前关于该山羊种质的相关研究还较为少见,对该白山羊品种资源的保存和开发利用十分不利。为此,本试验采用 PCR 测序的方法,测定马鞍山地区白山羊 SRY 基因编码区和 mtDNA D-loop 区基因全序列,通过测序和分子特征分析,对安徽马鞍山地区白山羊品种内的群体遗传多样性以及与国内部分山羊品种间遗传距离进行分析,以期对马鞍山地区白山羊品种资源的有效保存、开发和遗传改良提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 材料

从安徽马鞍山地区采集品种特征明显、无血缘关系的公羊个体血样 19 份,母羊个体血样 40 份,利用含肝素钠抗凝剂的负压采血管,颈静脉采血 8 mL 于-20℃冰箱保存备用。

1.2 方法

1.2.1 血液 DNA 的提取 采用血液基因组 DNA 提取试剂盒提取马鞍山地区白山羊血液基因组 DNA,并采用 1%琼脂糖凝胶电泳检测提取的 DNA 样品。

1.2.2 SRY 基因和 mtDNA D-loop 区序列的扩增与测定 根据 GenBank 中山羊 SRY 基因序列和线粒体基因组的基因序列设计引物,所用引物信息见表 1。

表 1 马鞍山白山羊 SRY 基因序列和 mtDNA D-loop 区序列扩增所用引物及其信息

Table 1 Primers used for amplification of Maanshan white goat SRY gene sequence and mtDNA D-loop region

扩增目标 Amplification target	序列号 Access number	引物序列(5'→3') Primer sequence(5'→3')	扩增产物长度/bp Length of PCR product	退火温度/℃ T_m
SRY	D82963	F:GGAGGTATTGAGGGGAGGTATT R:AAGCGTGCCTTTGTTAGCGAGA	842	58
mtDNA D-loop	AF533441	F:CCCTAAGACTCAAGGAAGAAGCC R:GTGTGCTTGATACCTGCTCCTCT	1 211	60

利用公羊血液提取的 DNA 进行 SRY 基因 PCR 扩增,PCR 反应总体积 15 μ L,其中上、下游引物各 0.6 μ L,DNA 模板 1 μ L,2 $\times$ Taq PCR Master

Mix 7.5 μ L,ddH₂O 补足至 15 μ L。PCR 反应条件为:94℃ 3 min;94℃ 30 s,退火 30 s,72℃ 60 s,共 32 个循环;最后 72℃延伸 10 min,4℃保存。

利用母羊血液提取的 DNA 进行 mtDNA D-loop 区 PCR 扩增,PCR 反应总体系为 15 μ L,其中上、下游引物各 0.4 μ L,DNA 模板 1 μ L,2 $\times$ Taq PCR Master Mix 7.5 μ L,ddH₂O 补足至 15 μ L。PCR 反应条件:94 $^{\circ}$ C 3 min;94 $^{\circ}$ C 30 s,退火 30 s,72 $^{\circ}$ C 90 s,共 32 个循环;最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min,4 $^{\circ}$ C 保存。用琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物的大小、纯度及亮度,选取扩增效果良好且足量的样品送华大基因公司进行正反双向测序。

1.3 数据处理

使用 DNAMAN 软件,对 PCR 扩增所得的 19 条

SRY 基因全序列以及 40 条 mtDNA D-loop 区全序列,与从 GenBank 中下载的 20 种国内部分山羊品种 mtDNA D-loop 区全序列(表 2)进行编辑整理,用 Clustalx 2.0 软件进行序列比对;使用 DNAsp 5.0^[11] 软件统计马鞍山地区白山羊 SRY 基因序列和 mtDNA D-loop 区序列的多态位点数、核苷酸单倍型数目、单倍型多样性、核苷酸多样性、平均核苷酸差异数,并进行 Tajima’s 中性显著性检验;基于 Kimura2-parameter 模型,利用 MEGA X 软件计算安徽马鞍山地区白山羊与中国部分山羊品种间的遗传距离,并采用邻接法构建系统发育树。

表 2 国内部分山羊品种 mtDNA D-loop 区全序列

Table 2 Sequences of mtDNA D-loop sequences of some Chinese goat varieties					
品种 Variety	缩写 Abbreviation	序列号 Access number	品种 Variety	缩写 Abbreviation	序列号 Access number
黄淮山羊 Huanghuai goat	HHG	DQ121557	陕南白山羊 Shaannan white goat	SNW	DQ121609
阳城白山羊 Yangcheng white goat	YCW	GQ141256	波尔山羊 Boer goat	BOER	GQ141235
徐淮山羊 Xuhuai goat	XHG	GU223561	安哥拉山羊 Angora goat	AGL	GQ141232
海门山羊 Haimen goat	HMG	GU223571	西藏山羊 Tibetan goat	TBG	AY860934
辽宁绒山羊 Liaoning cashmere goat	LNG	GQ141245	龙陵黄山羊 Longling yellow goat	LLYG	KM464522
内蒙古绒山羊 Inner Monggolia cashmere goat	NMG	DQ188883	隆林山羊 Longlin goat	LLG	KM586111
川东白山羊 Chuangdong white goat	CDW	AY860882	云岭山羊 Yunling goat	YLG	KM464553
马头山羊 Matou goat	MTG	DQ121584	黔北麻羊 Qianbei brown goat	QBMG	DQ121595
板角山羊 Banjiao goat	BJG	DQ121494	成都麻羊 Chengdu brown goat	CDMG	DQ121518
贵州白山羊 Guizhou white goat	GZW	DQ121536	马鞍山地区白山羊 Maanshan white goat		SY* *
北川白山羊 Beichuan white goat	BCW	AY860873			

注:表中“*”为本研究所测序列。
Note:“*”sequences in this study.

2 结果与分析

2.1 马鞍山地区公母羊血样 DNA 提取

利用血液基因组 DNA 提取试剂盒提取山羊血液基因组 DNA,用 1%琼脂糖凝胶电泳检测,检测结果显示提取的 DNA 质量良好,可以进行下一步试验。

2.2 马鞍山地区白山羊 SRY 基因和 mtDNA D-loop 区序列的 PCR 扩增

利用提取的公母羊血液基因组 DNA,PCR 扩增公羊 SRY 基因编码区和母羊 mtDNA D-loop 区序列,结果如图 1 和图 2 所示。由图 1 和图 2 可知,PCR 扩增产物经 1%琼脂糖凝胶电泳检测后,公羊扩增的目的基因片段长度为 800 bp 左右,母羊扩增

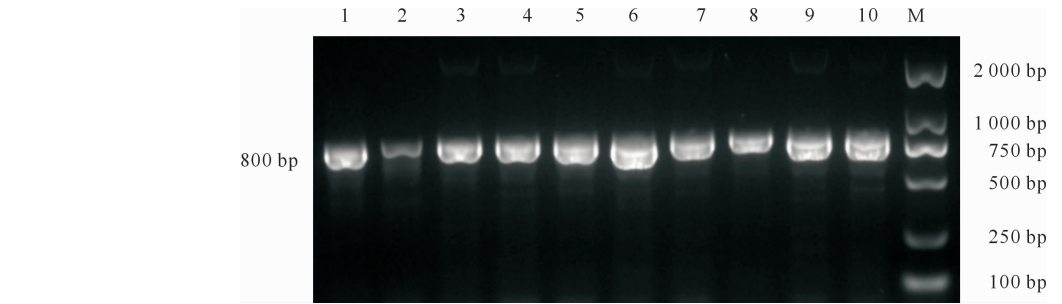
的目的基因片段长度为 1 200 bp 左右,与预期的片段大小一致。

2.3 马鞍山地区白山羊公羊 SRY 基因编码区的遗传变异

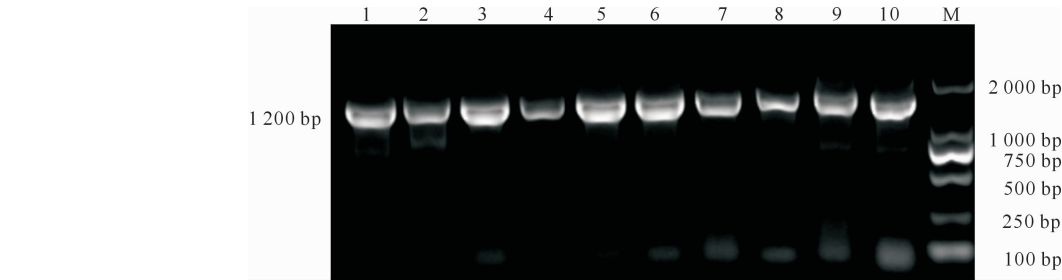
对 19 头白山羊公羊核苷酸多态性及 SRY 全序列碱基组成进行分析,结果表明在 SRY 基因整个编码区共含有 92 个变异位点,占核苷酸总数的 10.50%,其中单一多态位点(singleton variable sites)34 个,简约信息位点(parsimony informative sites)58 个。A、G、C 和 T 4 种碱基平均含量的占比分别为 30.4%,23.2%,23.7%和 22.7%,A+T 平均含量占比为 53.1%,G+C 平均含量占比为 46.9%,A+T 平均含量的占比较 G+C 高 6.2%。

利用 DNAsp 5.0 软件对白山羊 SRY 基因的单

倍型进行分析,结果(表 3)表明,19 头公羊个体含有 1.000,核苷酸多样性(Pi)为 0.018 68,平均核苷酸 H1~H19 共 19 种单倍型,单倍型多样性(Hd)为 差异数(k)为 15.152。



M. DNA Marker 2000;1~10. SRY 基因 PCR 扩增产物
M. DNA Marker 2000;1-10. PCR products of SRY gene
图 1 马鞍山地区白山羊 SRY 基因的 PCR 扩增产物
Fig.1 PCR products of SRY in Maanshan white goat



M. DNA Marker 2000;1~10. D-loop 区 PCR 扩增产物
M. DNA Marker 2000;1-10. PCR products of D-loop region
图 2 马鞍山地区白山羊 mtDNA D-loop 区的 PCR 扩增产物
Fig.2 PCR products of mtDNA D-loop region in Maanshan white goat

表 3 马鞍山地区白山羊 SRY 基因的单倍型分布

Table 3 SRY haplotypes of Maanshan white goat

单倍型 Haplotype	个体数 Number	羊只编号 Goat number	单倍型 Haplotype	个体数 Number	羊只编号 Goat number
H1	1	47	H11	1	58
H2	1	48	H12	1	59
H3	1	49	H13	1	60
H4	1	50	H14	1	61
H5	1	51	H15	1	62
H6	1	52	H16	1	63
H7	1	54	H17	1	64
H8	1	55	H18	1	65
H9	1	56	H19	1	66
H10	1	57			

2.4 马鞍山地区白山羊母羊 mtDNA D-loop 区的遗传变异

对 40 头白山羊母羊核苷酸多态性及 mtDNA D-loop 区序列碱基组成进行分析,结果表明母羊 mtDNA D-loop 区共含有 986 个变异位点,占核苷酸总数的 69.24%,其中单一多态位点 150 个,简约信息位点 836 个。A、G、C 和 T 4 种碱基的平均含量占比分别为 31.1%,15.9%,25.1%和 27.9%,

A+T 平均含量的占比为 59%,G+C 平均含量的占比为 41%,A+T 平均含量的占比较 G+C 平均含量的占比高 18%。利用 DNAsp 5.0 对白山羊 mt-DNA D-loop 区的单倍型进行分析,结果(表 4)表明,40 头母羊含有 H1~H32 共 32 种单倍型,单倍型多样性(Hd)为 0.986,核苷酸多样性(Pi)为 0.127 13,平均核苷酸差异数(k)为 12.915。

表 4 马鞍山地区白山羊 mtDNA D-loop 区的单倍型分布
Table 4 mtDNA D-loop haplotypes of Maanshan white goat

单倍型 Haplotype	个体数 Number	羊只编号 Goat number	单倍型 Haplotype	个体数 Number	羊只编号 Goat number
H1	2	1,26	H17	1	18
H2	1	2	H18	1	19
H3	1	3	H19	1	21
H4	4	4,20,23,36	H20	2	22,30
H5	1	5	H21	1	24
H6	2	6,39	H22	1	25
H7	1	7	H23	1	27
H8	1	8	H24	1	28
H9	1	9	H25	2	31,38
H10	1	10	H26	1	35
H11	1	11	H27	1	37
H12	1	12	H28	1	40
H13	1	13	H29	2	41,45
H14	1	14	H30	1	43
H15	1	15	H31	1	44
H16	1	16	H32	1	46

2.5 马鞍山地区白山羊与国内部分山羊品种间的系统进化分析

基于 Kimura2-parameter 模型,利用 MEGA X 软件计算安徽马鞍山地区白山羊与国内部分山羊品种间的遗传距离,结果表明马鞍山地区白山羊与马头山羊的遗传距离最大,为 0.034 1;与辽宁绒山羊的遗传距离最近,为 0.000 1。采用邻接法(NJ)构建马鞍山地区白山羊与国内其他 20 个山羊品种间的系统发育树,结果(图 3)表明,马鞍山地区白山羊首先与黄淮山羊、西藏山羊聚为一支,包含 3 种单倍型;其次与辽宁绒山羊聚为一支,包含 7 种单倍型;再与贵州白山羊聚为一支,包含 5 种单倍型;最后与安哥拉山羊、波尔山羊聚为一支,包含 7 种单倍型。说明马鞍山地区白山羊在起源中受到较多其他羊种群体扩张的影响。

3 讨 论

单倍型多样性(Hd)和核苷酸多样性(Pi)是评价群体遗传多样性和分化状况的重要指标,二者数值越大,表明遗传多样性越丰富^[12]。本试验中的 Hd 和 Pi 数值均较高,说明马鞍山地区白山羊多态程度高,遗传多样性丰富,这与王杰^[13]对中国北方 11 种陇东黑山羊多态信息的单倍型和核苷酸多样性范围的测定结果一致。说明马鞍山地区白山羊拥有较强的遗传选择潜力以及丰富的遗传多样性,在未来的遗传育种工作中应该额外重视。

马鞍山地区白山羊 mtDNA D-loop 区全序列中 A+T 的平均含量明显高于 G+C,符合 mt DNA D-loop 区的碱基组成规律,与赵中权等^[14]、姜雪鸥等^[15]、闫益波等^[16]以及 Liu 等^[17]的研究结果一致,说明 mtDNA D-loop 区全序列均富含 A/T 碱基,可能是 A/T 碱基含量越丰富 mtDNA D-loop 区变异率越高^[16]。本研究中,40 个母羊个体的 mt DNA D-loop 区共有 150 个单一多态位点,具备较高的多态性,在一定程度上支持了张红平等^[18]关于 4 个引进山羊品种 mtDNA 控制区序列变异和系统发生关系的研究。本研究中公羊 SRY 基因变异位点只占核苷酸总量的 10.50%,占比较少,而 4 种碱基含量也大致相同,19 个公羊样本含有 19 种单倍型。刘仲娜等^[19]关于麦洼牦牛 SRY 基因序列的分析显示,牦牛的 G+C 含量为 47.6%,且亲缘关系与绵羊和山羊最近。蒋利等^[20]在阿勒泰羊和藏绵羊 SRY 基因序列分析及亲缘关系研究中也发现,A+T 含量略微高于 G+C,且 A、G、C、T 4 种碱基含量大致一样。在 SRY 基因方面,马鞍山地区白山羊与其他品种山羊的系统发育进化关系还需进一步分析。

本研究利用安徽马鞍山地区白山羊与国内部分山羊构建 NJ 系统发育树,结果显示大部分马鞍山地区白山羊与辽宁绒山羊聚为一支,其余部分分别与黄淮山羊、西藏山羊、贵州白山羊、安哥拉山羊及波尔山羊聚为一支。而且马鞍山地区白山羊与辽宁绒山羊划分为同一个支系,且二者遗传距离最近;与

马头山羊遗传距离最远。

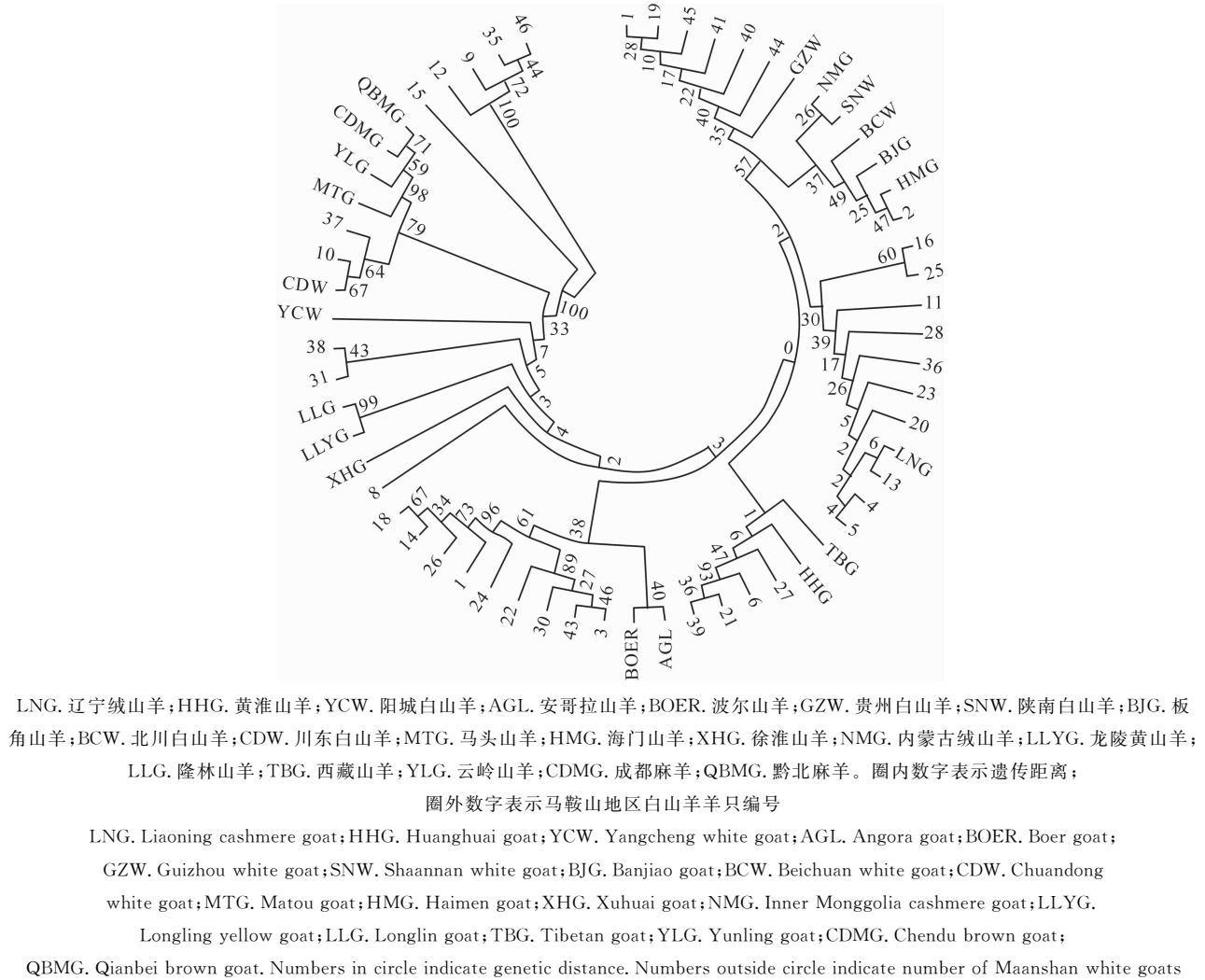


图 3 马鞍山地区白山羊与国内部分山羊品种的系统进化关系

Fig. 3 Phylogenetic relationship between Maanshan white goats and other goat breeds in China

mtDNA D-loop 区的错配分析常用于检测群体扩张和推断群体扩张时间,Jyotsana 等^[21]利用错配分析检验了 33 个印度山羊群体的地理扩张,表明印度山羊群体的扩张模型合理可靠。郝荣超等^[22]关于中国南部和西北地区山羊 mtDNA D-loop 区遗传多样性及群体分化的研究显示,中国南部和西北山羊至少发生过 3 次群体扩张。Guang 等^[23]对长江沿岸中国山羊遗传多样性的研究表明,长江沿岸的 16 个山羊种群具有较高的多样性和聚类性,共鉴定出 173 种单倍型,其相互间存在遗传物质的交换。Liu 等^[17]对 15 个种群藏山羊的错配分析表明,其中的 3 个单倍群至少有 1 次群体扩张。Chen 等^[24]用失配分布和 Fu's Fs 统计对中国山羊进行分析,结果表明中国山羊曾发生过群体扩张事件。从本研究构建的 NJ 系统发育树可以看出,马鞍山地区白山

羊中的一部分与西藏山羊处于同一分支,表明二者之间在历史上可能存在遗传物质的交换。白文林^[25]利用 Fu's Fs 中性检验对中国产绒山羊品种父系与母系起源的分子特征及遗传分化研究表明,中国产绒山羊群体在历史上可能发生过群体扩张事件。

综上所述,马鞍山地区白山羊与辽宁绒山羊遗传距离最近,其次是黄淮山羊、西藏山羊以及贵州白山羊,与马头山羊遗传距离最远。从构建的 NJ 发育树来看,马鞍山地区白山羊与国内多个山羊品种混合在一起,说明马鞍山地区白山羊在起源中受到较多其他羊种群体扩张的影响。

[参考文献]

[1] 杜立新,李金泉,马宁,等.中国畜禽遗传资源志·羊志[M].北京:中国农业出版社,2011.

- Du L X, Li J Q, Ma N, et al. Animal genetic resources in China sheep and goats [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2011.
- [2] Yadav A S, Gahlot K, Gahlot G C, et al. Microsatellite DNA typing for assessment of genetic variability in Marwari breed of Indian goat [J]. *Veterinary World*, 2015, 8(7): 848-854.
- [3] 王国华, 郝荣超, 杨国忠. 云南山羊线粒体 DNA 遗传多样性与聚类分析 [J]. *基因组学与应用生物学*, 2016, 35(9): 2361-2366.
- Wang G H, Hao R C, Yang G Z. Analysis of mtDNA genetic diversity and cluster of Yunnan goats [J]. *Genomics and Applied Biology*, 2016, 35(9): 2361-2366.
- [4] Ahmed S, Grobler P, Madisha T, et al. Mitochondrial D-loop sequences reveal a mixture of endemism and immigration in Egyptian goat populations [J]. *Mitochondrial DNA Part A*, 2017, 28(5): 711-716.
- [5] Vakili A M, Nasiri M, Shamsa A J, et al. Comparative in silico study of sex-determining region Y (SRY) protein sequences involved in sex-determining [J]. *Reports of Biochemistry & Molecular Biology*, 2016, 4(2): 76-81.
- [6] 曹学涛, 裴生伟, 张晋, 等. 绵羊 Y 染色体特异性引物及 SNPs 的筛选 [J]. *中国农业科学*, 2018, 51(15): 170-186.
- Cao X T, Pei S W, Zhang J, et al. Screening of Y chromosome specific primers and Y-SNPs in sheep [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2018, 51(15): 170-186.
- [7] Cinar K B, Bilgen N, Lenstra J A, et al. Y-chromosomal variation of local goat breeds of Turkey close to the domestication centre [J]. *Journal of Animal Breeding & Genetics*, 2016, 132(6): 449-453.
- [8] Chen H, Ren Z, Zhao J, et al. Y-chromosome polymorphisms of the domestic Bactrian camel in China [J]. *Journal of Genetics*, 2018, 97(1): 3-10.
- [9] Matthew E H, Mark A J. Haploid chromosomes in molecular ecology: lessons from the human Y [J]. *Molecular Ecology*, 2001, 10(7): 1599-1613.
- [10] Risa T, Fuki K, Shinji S, et al. The Eurasian steppe is an important goat propagation route: a phylogeographic analysis using mitochondrial DNA and Y-chromosome sequences of Kazakhstani goats [J]. *Animal Science Journal*, 2019, 90(3): 317-322.
- [11] Librado P, Rozas J. DNASP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data [J]. *Bioinformatics*, 2009, 25(11): 1451-1452.
- [12] 潘建飞, 史兆国, 成述儒, 等. 甘肃主要马群体遗传多样性及系统发育研究 [J]. *农业生物技术学报*, 2014, 22(2): 210-218.
- Pan J F, Shi Z G, Cheng S R, et al. The study of genetic diversity and phylogenetic evolution in indigenous horses of Gansu [J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2014, 22(2): 210-218.
- [13] 王杰. 中国 11 个山羊品种遗传多样性与起源分化研究 [D]. 陕西杨凌: 西北农林科技大学, 2007.
- Wang J. Genetic diversity origin and evolution of eleven Chinses domestic goat breeds [D]. Yangling, Shaanxi: Northwest A&F University, 2007.
- [14] 赵中权, 刘小艳, 张旭刚, 等. 新批准的西南地区 5 个山羊遗传资源 mtDNA D-loop 遗传多样性与亲缘关系研究 [J]. *黑龙江畜牧兽医*, 2011, 10(19): 9-12.
- Zhao Z Q, Liu X Y, Zhang X G, et al. Studies on genetic diversity and sibship of mitochondrial DNA D-loop sequences in five newly approved goat genetic resources in southwest of China [J]. *Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine*, 2011, 10(19): 9-12.
- [15] 姜雪鸥, 杨鹰, 万洁, 等. 攀西地区黑山羊 mtDNA D-loop 区遗传多态性研究 [J]. *东北农业大学学报*, 2013, 44(9): 23-29.
- Jiang X O, Yang Y, Wan J, et al. Study on genetic diversity of black goat mtDNA D-loop in Panxi local [J]. *Journal of Northeast Agricultural University*, 2013, 44(9): 23-29.
- [16] 闫益波, 杜丽英, 张伯池, 等. 山西太行黑山羊 mtDNA D-Loop 区遗传多样性分析 [J]. *山西农业科学*, 2020, 48(6): 974-980.
- Yan Y B, Du L Y, Zhang B C, et al. Genetic diversity analysis of mtDNA D-Loop region in Shanxi Taihang black goat [J]. *Journal of Shanxi Agricultural Sciences*, 2020, 48(6): 974-980.
- [17] Liu J B, Ding X Z, Zeng Y F, et al. Genetic diversity and phylogenetic evolution of Tibetan sheep based on mtDNA D-Loop sequences [J]. *PLoS ONE*, 2016, 11(7): e0159308.
- [18] 张红平, 李利, 李学伟. 4 个引进山羊品种 mtDNA 控制区序列变异和系统发生关系研究 [J]. *中国畜牧杂志*, 2006, 42(9): 1-4.
- Zhang H P, Li L, Li X W. Variability of the complete mitochondrial control region and phylogeny of four introduced goats [J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2006, 42(9): 1-4.
- [19] 刘仲娜, 钟金城, 柴志欣, 等. 麦洼牦牛 SRY 基因克隆及序列分析 [J]. *中国畜牧兽医*, 2013, 40(12): 5-11.
- Liu Z N, Zhong J C, Cai Z X, et al. Cloning and sequence analysis of SRY gene in Maiwa yak [J]. *China Animal Science and Veterinary Medicine*, 2013, 40(12): 5-11.
- [20] 蒋利, 王康环, 王海, 等. 阿勒泰羊、藏绵羊(贾洛类群、欧拉类群)SRY 基因序列分析及亲缘关系研究 [J]. *西南民族大学学报(自然科学版)*, 2013, 39(4): 487-494.
- Jiang L, Wang K H, Wang H, et al. Sequence analysis of the SRY gene and genetic relationship of Altay sheep, Tibetan sheep (Jialuo population, Oula population) [J]. *Journal of Southwest University for Nationalities (Natural Science Edition)*, 2013, 39(4): 487-494.
- [21] Jyotsana D, Singh A W, Ahlawat S, et al. Comprehensive analysis of mitochondrial DNA based genetic diversity in Indian goats [J]. *Gene*, 2020, 756: 144910.

and immune responses against aeromonas hydrophila in blunt snout bream (*Megalobrama amblycephala*) [J]. Fish & Shellfish Immunology,2018,78:177-186.

[18] 陈晓瑛,王国霞,孙育平,等. 饲料中添加低聚木糖对凡纳滨对虾幼虾消化酶活力、肠道形态及细菌数量的影响 [J]. 动物营养学报,2018,30(4):1522-1529.

Chen X Y,Wang G X,Sun Y P,et al. Effects of dietary xylooligosaccharides on digestive enzymes activities, intestinal morphology and bacteria numbers of juvenile *Litopenaeus vannamei* [J]. Chinese Journal of Animal Nutrition,2018,30(4):1522-1529.

[19] 问 鑫,卢 萍. 低聚木糖的作用机理及其在断奶仔猪生产中的应用 [J]. 中国饲料,2018(19):24-27.

Wen X,Lu P. The mechanism of xylooligosaccharide and application in weaning piglet [J]. China Feed,2018(19):24-27.

[20] 扶国才,贺生中,罗有文,等. 低聚木糖对生长猪免疫功能和血液生化指标的影响 [J]. 扬州大学学报(农业与生命科学版),2009,30(3):50-53.

Fu G C,He S Z,Luo Y W,et al. Effects of dietary xylooligosaccharide on immunity and serum biochemical index of growing pigs [J]. Journal of Yangzhou University (Agricultural and Life Science Edition),2009,30(3):50-53.

[21] 聂 卉,李晓静,李坚斌. 低聚木糖的生物活性、制备及应用研究进展 [J]. 食品研究与开发,2016,37(14):210-213.

Nie H,Li X J,Li J B. The research development on bioactivity, preparation and application of xylooligosaccharides [J]. Food Research and Development,2016,37(14):210-213.

[22] 韩 丽,潘 杰,解培峰,等. 低聚木糖对生长肥育猪血浆生化参数、肌肉氨基酸含量和肌纤维类型组成的影响 [J]. 动物营养学报,2018,30(5):1880-1886.

Han L,Pan J,Xie P F,et al. Effects of xylooligosaccharide on plasma biochemical indices, amino acid contents and fiber type composition of muscle of growing-finishing pigs [J]. Chinese Journal of Animal Nutrition,2018,30(5):1880-1886.

[23] 王 瑛,何 健,邓传东. 低聚木糖对产蛋后期蛋鸡生产性能及蛋壳品质的影响 [J]. 中国家禽,2016,38(13):45-47.

Wang Y,He J,Deng C D. Effects of xylooligosaccharide on production performance and eggshell quality of laying hens in the later laying period [J]. China Poultry,2016,38(13):45-47.

[24] 党国华,杜文兴,宋晓春,等. 低聚木糖对商品蛋鸡产蛋性能及蛋壳品质的影响 [J]. 中国畜牧杂志,2005,41(1):29-36.

Dang G H,Du W X,Song X C,et al. Effects of xylooligosaccharide on production performance and egg quality of commercial laying hens [J]. Chinese Journal of Animal Science,2005,41(1):29-36.

[25] Kridtayopas C,Rakantong C,Bunchasak C,et al. Effect of prebiotic and synbiotic supplementation in diet on growth performance, small intestinal morphology, stress, and bacterial population under high stocking density condition of broiler chickens [J]. Poultry Science,2019,98(10):4595-4605.

[26] Ahmed I,Qaisrani S N,Azam F,et al. Interactive effects of threonine levels and protein source on growth performance and carcass traits,gut morphology,ileal digestibility of protein and amino acids, and immunity in broilers [J]. Poultry Science,2020,99(1):280-289.

(上接第 15 页)

[22] 郝荣超,王国华,梁菲菲. 中国南部和西北地区山羊 mtDNA D-loop 区遗传多样性及群体分化 [J]. 农业生物技术学报,2017,25(2):258-266.

Hao R C,Wang G H,Liang F F. The genetic diversity of mtDNA D-loop and the differentiation of goats (*Capra hircus*) in south and northwest of China [J]. Journal of Agricultural Biotechnology,2017,25(2):258-266.

[23] Guang X E,Yong J Z,Li P C,et al. Genetic diversity of the Chinese goat in the littoral zone of the Yangtze River as assessed by microsatellite and mtDNA [J]. Ecology and Evolution,2018,8(10):5111-5123.

[24] Chen S Y,Su Y H,Wu S F,et al. Mitochondrial diversity and phylogeographic structure of Chinese domestic goats [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution,2005,37(3):804-814.

[25] 白文林. 中国产绒山羊品种父系与母系起源的分子特征及遗传分化 [D]. 长春:吉林大学,2009.

Bai W L. Molecular characterization of male and female origin and genetic differentiation in Chinese cashmere goat breeds [D]. Changchun:Jiling University,2009.